

野外における帯状粗皮症罹病カンショのウイルス生態

岡田吉弘・齋藤 彰・木村貴志
(九州沖縄農業研究センター)Yoshihiro Okada, Akira Saito and Takashi Kimura :
Distribution of sweet potato feathery mottle virus in field infected sweet potato

カンショの帯状粗皮症は、品質および収量を著しく低下させるカンショの重要病害の一つである。本病は、サツマイモ斑紋モザイクウイルス (SPFMV) 強毒系統 (S 系統) によって引き起こされるウイルス病である。本病を回避するために、生産者はウイルスフリー苗を2～3年毎に更新する必要がある、経済的な負担となっている。これまでに、本病に対する抵抗性遺伝資源は見つかっておらず、抵抗性育種は皆無である。一方、我々は、これまでに、ウイルス外被タンパク質遺伝子 (CP) を導入した SPFMV - S 抵抗性組換え体を作成している。今回、組換え体実用化に向けた研究の一環として、より自然条件に近い模擬的環境での抵抗性検定を実施するために、野外において帯状粗皮症を発症している株のウイルス生態を調査したので報告する。

1. 材料および方法

材料には、宮崎県総合農業試験場から分譲された帯状粗皮症罹病カンショ 1 株を栄養体増殖し、そのクローンを用いた。ウイルスの検出は、CP を抗原として新たに作成した抗体を用いたウエスタン法および RT-PCR 法により検出した。SPFMV は、これまでに3つのレース (普通系統 : O, 強毒系統 : S, 徳島系統 : T) が報告されているため、これらのレースを同定する目的で、RT-PCR 法では、増幅後、制限酵素で消化することにより、検出されたレースを特定した。

2. 結果および考察

同一株由来の20クローンを用いたウエスタン解析の結果、3クローンでのみ予想された分子量にシグナルが得られたが、RT-PCR を行った結果、全てのクローンでシグナルが検出された。これは、ウエスタン法と RT-PCR 法の検出感度の差異によるものと考えられたため、全てのクローンがウイルス感染していると判断した。さらに、感染レースを特定するために、RT-PCR 増幅産物の制限酵素消化を行った結果、複数のレースの複合感染が確認された。しかしながら、同一株由来のクローンであるにもかかわらず、①クローン毎に検出されるレースおよびその組合せが異なっていた、②O 系統は全てのクローンから検出されたことから (第1表)、O 系統は比較的均一に植物体内に存在するものの、S 系統および T 系統はかなり不均一に散在しているものと考えられた。また、これらの結果から複合感染した場合にはウイルスレース間に優先種が存在するものと考えられ、その関係は、O > S > T であると推測された。従って、野外では、複数のウイルスレースの複合感染が起こっており、今後、帯状粗皮症抵抗性検定を行う際には、複合感染による検定法の確立と実施が、実用系統の選抜・育成に重要である。

第1表 野外における帯状粗皮症罹病サツマイモのクローン毎の調査において検出されたウイルスレースの差異

Clone No.	Western	RT-PCR			Strains
		Amplify	BamHI digest	EcoRI digest	
C1	—	—	—	—	Free
1	—	+	1.3+0.7+0.6kb	1.3kb	O + T
3	+	+	1.3kb	1.3+0.7+0.6kb	O + S
4	—	+	1.3kb	1.3+0.7+0.6kb	O + S
5	—	+	1.3kb	1.3kb	O
7	—	+	1.3kb	1.3kb	O
8	—	+	1.3kb	1.3kb	O
9	—	+	1.3kb	1.3kb	O
10	—	+	1.3kb	1.3kb	O
11	—	+	1.3kb	1.3kb	O
12	—	+	1.3kb	1.3kb	O
13	—	+	1.3kb	1.3+0.7+0.6kb	O + S
14	—	+	1.3kb	1.3kb	O
15	—	+	1.3kb	1.3+0.7+0.6kb	O + S
16	+	+	1.3kb	1.3+0.7+0.6kb	O + S
18	—	+	1.3kb	1.3+0.7+0.6kb	O + S
19	—	+	1.3kb	1.3+0.7+0.6kb	O + S
22	—	+	1.3kb	1.3kb	O
23	+	+	1.3kb	1.3+0.7+0.6kb	O + S
24	—	+	1.3kb	1.3kb	O
25	—	+	1.3kb	1.3kb	O